

#2

PATENT

Attorney Docket No.: 032301WD216

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

Applicants: Brigitte BATHE, *et al.*)
Serial No.: 09/942,935) Group Art Unit: Unassigned
Filed: August 31, 2001) Examiner: Unassigned

For: NUCLEOTIDE SEQUENCES WHICH CODE FOR THE sigM GENE

CLAIM FOR FOREIGN PRIORITY

Commissioner for Patents
Washington, D.C. 20231

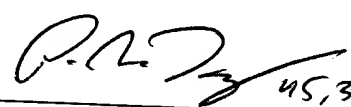
Dear Sir:

Under the provisions of Section 119 of 35 U.S.C., Applicants hereby claim the benefit of German Application No. DE 101 36 984.0 filed in Germany on July 28, 2001 relating to the above-identified United States patent application.

In support of Applicants' claim for priority, a certified copy of said German application is attached hereto.

Respectfully submitted,

SMITH, GAMBRELL & RUSSELL, LLP

By:  45,338
Robert G. Weilacher, Reg. No. 20,531
1850 M Street, N.W., Suite 800
Washington, D.C. 20036
Telephone: (202) 659-2811
Facsimile: (202) 263-4329

November 6, 2001



Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen: 101 36 984.0

Anmeldetag: 28. Juli 2001

Anmelder/Inhaber: Degussa AG, Düsseldorf/DE

Bezeichnung: Für das sigM-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

Priorität: 2.9.2000 DE 100 43 337.5

IPC: C 12 N, C 07 H, C 12 P

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 16. Oktober 2001
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

HolB

Für das sigM-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

Gegenstand der Erfindung sind für das sigM-Gen kodierende Nukleotidsequenzen aus coryneformen Bakterien und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren unter Verwendung von Bakterien, in denen das endogene sigM-Gen verstärkt wird.

Stand der Technik

L-Aminosäuren, insbesondere Lysin, finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der Tierernährung, Anwendung.

Es ist bekannt, dass Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere *Corynebacterium glutamicum*, hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen wie zum Beispiel Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie zum Beispiel die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch zum Beispiel Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und Aminosäuren produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-Aminosäure produzierenden Stämmen von *Corynebacterium*

eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht.

Aufgabe der Erfindung

- 5 Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

- Werden im folgenden L-Aminosäuren oder Aminosäuren erwähnt,
10 sind damit eine oder mehrere Aminosäuren einschließlich ihrer Salze, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin, L-Lysin, L-Tryptophan
15 und L-Arginin gemeint. Besonders bevorzugt ist Lysin.

Wenn im folgenden L-Lysin oder Lysin erwähnt werden, sind damit nicht nur die Basen, sondern auch die Salze wie z.B. Lysin-Monohydrochlorid oder Lysin-Sulfat gemeint.

- Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid
20 aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das sigM-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das
25 die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
- 30 c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und

- d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15
aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz
von a), b) oder c),

wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität des Sigma-
5 Faktors M aufweist.

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls das oben genannte
Polynukleotid, wobei es sich bevorzugt um eine
replizierbare DNA handelt, enthaltend:

- 10 (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1,
oder
(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i)
innerhalb des Bereichs der Degeneration des
genetischen Kodes entspricht, oder
15 (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz
(i) oder (ii) komplementären Sequenz
hybridisiert, und gegebenenfalls
(iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

Weitere Gegenstände sind

ein replizierbares Polynukleotid, insbesondere DNA,
20 enthaltend die Nukleotidsequenz wie in SEQ ID No. 1
dargestellt;

ein Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die
Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2 dargestellt,
enthält;

25 ein Vektor, enthaltend das erfindungsgemäße Polynukleotid,
insbesondere Pendelvektor oder Plasmidvektor, und

coryneforme Bakterien, die den Vektor enthalten oder in
denen das endogene sigM-Gen verstärkt ist.

Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank eines coryneformen Bakteriums, 5 die das vollständige Gen oder Teile davon enthält, mit einer Sonde, die die Sequenz des erfindungsgemäßen Polynukleotids gemäß SEQ ID No.1 oder ein Fragment davon enthält und Isolierung der genannten Polynukleotidsequenz.

10 Polynukleotide, die die Sequenzen gemäß der Erfindung enthalten, sind als Hybridisierungs-Sonden für RNA, cDNA und DNA geeignet, um Nukleinsäuren beziehungsweise Polynukleotide oder Gene in voller Länge zu isolieren, die für den Sigma-Faktor M kodieren, oder um solche Nukleinsäuren beziehungsweise Polynukleotide oder Gene zu 15 isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit der Sequenz mit der des sigM-Gens aufweisen. Sie sind ebenso zum Einbau in sogenannte „arrays“, „micro arrays“ oder „DNA chips“ geeignet, um die entsprechenden Polynukleotide zu detektieren und zu bestimmen.

20 Polynukleotide, die die Sequenzen gemäß der Erfindung enthalten, sind weiterhin als Primer geeignet, mit deren Hilfe mit der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) DNA von Genen hergestellt werden kann, die für den Sigma-Faktor M kodieren.

25 Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide, enthalten mindestens 25, 26, 27, 28, 29 oder 30, bevorzugt mindestens 20, 21, 22, 23 oder 24, ganz besonders bevorzugt mindestens 15, 16, 17, 18 oder 19 aufeinanderfolgende Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit 30 einer Länge von mindestens 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39 oder 40, oder mindestens 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 oder 50 Nukleotiden. Gegebenenfalls sind auch Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 100, 150, 200, 250 oder 300 Nukleotiden geeignet.

„Isoliert“ bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

„Polynukleotid“ bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es
5 sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

Die Polynukleotide gemäß Erfindung schließen ein Polynukleotid gemäß SEQ ID No. 1 oder ein daraus hergestelltes Fragment und auch solche ein, die zu
10 wenigstens besonders 70% bis 80%, bevorzugt zu wenigstens 81% bis 85%, besonders bevorzugt zu wenigstens 86% bis 90%, und ganz besonders bevorzugt zu wenigstens 91%, 93%, 95%, 97% oder 99% identisch sind mit dem Polynukleotid gemäß SEQ ID No. 1 oder eines daraus hergestellten Fragmentes.

15 Unter „Polypeptiden“ versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

Die Polypeptide gemäß Erfindung schließen ein Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der
20 biologischen Aktivität des Sigma-Faktors M und auch solche ein, die zu wenigstens 70% bis 80%, bevorzugt zu wenigstens 81% bis 85%, besonders bevorzugt zu wenigstens 86% bis 90%, und ganz besonders bevorzugt zu wenigstens 91%, 93%, 95%, 97% oder 99% identisch sind mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID
25 No. 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-
30 Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin, L-Lysin, L-Tryptophan und L-Arginin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits Aminosäuren produzieren und in denen die für das sigM-Gen

kodierenden Nukleotidsequenzen verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder
5 mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöht, einen starken Promotor verwendet oder ein Gen oder Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym (Protein)
10 mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Durch die Maßnahmen der Verstärkung, insbesondere Überexpression, wird die Aktivität oder Konzentration des entsprechenden Proteins im allgemeinen um mindestens 10%,
15 25%, 50%, 75%, 100%, 150%, 200%, 300%, 400% oder 500%, maximal bis 1000% oder 2000% bezogen auf die des Wildtyp-Proteins beziehungsweise der Aktivität oder Konzentration des Proteins im Ausgangs-Mikroorganismus erhöht.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden
20 Erfindung sind, können L-Aminosäuren aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung Corynebacterium handeln. Bei der Gattung
25 Corynebacterium ist insbesondere die Art Corynebacterium glutamicum zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung Corynebacterium, insbesondere der Art Corynebacterium glutamicum (C. glutamicum), sind
30 besonders die bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032

Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806

Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870

Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539
Corynebacterium melassecola ATCC17965
Brevibacterium flavum ATCC14067
Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und
5 Brevibacterium divaricatum ATCC14020

und daraus hergestellte L-Aminosäuren produzierende
Mutanten bzw. Stämme.

Das neue, für das Enzym Sigma-Faktor M kodierende sigM-Gen
von C. glutamicum wurde isoliert.

- 10 Zur Isolierung des sigM-Gens oder auch anderer Gene von
C. glutamicum wird zunächst eine Genbank dieses
Mikroorganismus in Escherichia coli (E. coli) angelegt.
Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten
Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel
15 seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine
Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim,
Deutschland, 1990), oder das Handbuch von Sambrook et al.:
Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor
Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank
20 ist die des E. coli K-12 Stammes W3110, die von Kohara et
al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde.
Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265,
1996) beschreiben eine Genbank von C. glutamicum ATCC13032,
die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al.,
25 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA,
84:2160-2164) im E. coli K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al.,
1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde.

- Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326
(1992)) wiederum beschreiben eine Genbank von C. glutamicum
30 ATCC13032 unter Verwendung des Cosmids pHc79 (Hohn und
Collins, Gene 11, 291-298 (1980)).

Zur Herstellung einer Genbank von C. glutamicum in E. coli
können auch Plasmide wie pBR322 (Bolivar, Life Sciences,

25, 807-818 (1979)) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19:259-268) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche E. coli Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DH5 α mc^r, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe von Cosmiden klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend wiederum in gängige, für die Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert und anschließend sequenziert werden, so wie es z.B. bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74:5463-5467, 1977) beschrieben ist.

Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen wie z.B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232(1986)), dem von Marck (Nucleic Acids Research 16, 1829-1836 (1988)) oder dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)) untersucht werden.

Die neue für das Gen sigM kodierende DNA-Sequenz von C. glutamicum wurde erhalten, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des sigM-Genproduktes dargestellt. Es ist bekannt, daß wirtseigene Enzyme die N-terminale Aminosäure Methionin bzw. Formylmethionin des gebildeten Proteins abspalten können.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID No. 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Kodes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche

wie z.B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als „Sinnmutationen“ (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d.h. funktionsneutral sind. Derartige Mutationen werden unter anderem auch als neutrale Substitutionen bezeichnet. Weiterhin ist bekannt, daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können.

5

10 Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) und in bekannten

15 Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID No. 2 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. Schließlich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID No. 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben

20

25 typischerweise eine Länge von mindestens 15 Nukleotiden.

Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH

30 (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Die Hybridisierung findet unter stringenten Bedingungen statt, das heisst, es werden nur Hybride gebildet, bei denen Sonde und Zielsequenz, d. h. die mit

35 der Sonde behandelten Polynukleotide, mindestens 70%

identisch sind. Es ist bekannt, dass die Stringenz der Hybridisierung einschließlich der Waschschrirte durch Variieren der Pufferzusammensetzung, der Temperatur und der Salzkonzentration beeinflusst bzw. bestimmt wird. Die

5 Hybridisierungsreaktion wird vorzugsweise bei relativ niedriger Stringenz im Vergleich zu den Waschschrirten durchgeföhrt (Hybaid Hybridisation Guide, Hybaid Limited, Teddington, UK, 1996).

Für die Hybridisierungsreaktion kann beispielsweise ein 5x

10 SSC-Puffer bei einer Temperatur von ca. 50 - 68°C eingesetzt werden. Dabei können Sonden auch mit Polynukleotiden hybridisieren, die weniger als 70% Identität zur Sequenz der Sonde aufweisen. Solche Hybride sind weniger stabil und werden durch Waschen unter

15 stringenten Bedingungen entfernt. Dies kann beispielsweise durch Senken der Salzkonzentration auf 2x SSC und gegebenenfalls nachfolgend 0,5x SSC (The DIG System User's Guide for Filter Hybridisation, Boehringer Mannheim, Mannheim, Deutschland, 1995) erreicht werden, wobei eine

20 Temperatur von ca. 50 - 68°C eingestellt wird. Es ist gegebenenfalls möglich die Salzkonzentration bis auf 0,1x SSC zu senken. Durch schrittweise Erhöhung der Hybridisierungstemperatur in Schritten von ca. 1 - 2°C von 50 auf 68°C können Polynukleotidfragmente isoliert werden,

25 die beispielsweise mindestens 70% oder mindestens 80% oder mindestens 90% bis 95% Identität zur Sequenz der eingesetzten Sonde besitzen. Weitere Anleitungen zur Hybridisierung sind in Form sogenannter Kits am Markt erhältlich (z.B. DIG Easy Hyb von der Firma Roche

30 Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Catalog No. 1603558).

Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonucleotide

35 Synthesis: A Practical Approach (IRL Press, Oxford, UK,

1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Es wurde gefunden, daß coryneforme Bakterien nach Überexpression des sigM-Gens in verbesserter Weise
5 Aminosäuren produzieren.

Zur Erzielung einer Überexpression kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die Promotor- und Regulationsregion oder die
10 Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich, die Expression im
15 Verlaufe der fermentativen Aminosäure-Produktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit
20 unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

25 Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), bei Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen
30 Patentschrift 0 472 869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), bei Reinscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung
35 WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15 - 24

(1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift JP-A-10-229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60:512-538 (1996)) und in
5 bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Zur Verstärkung wurde das erfindungsgemäße sigM-Gen beispielhaft mit Hilfe von episomalen Plasmiden überexprimiert. Als Plasmide eignen sich solche, die in coryneformen Bakterien repliziert werden. Zahlreiche
10 bekannte Plasmidvektoren wie z.B. pZ1 (Menkel et al., Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554), pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102:93-98 (1991)) oder pHS2-1 (Sonnen et al., Gene 107:69-74 (1991)) beruhen auf den kryptischen Plasmiden pHM1519, pBL1 oder pGA1. Andere
15 Plasmidvektoren wie z.B. solche, die auf pCG4 (US-A 4,489,160), oder pNG2 (Serwold-Davis et al., FEMS Microbiology Letters 66, 119-124 (1990)), oder pAG1 (US-A 5,158,891) beruhen, können in gleicher Weise verwendet werden.

20 Weiterhin eignen sich auch solche Plasmidvektoren mit Hilfe derer man das Verfahren der Genamplifikation durch Integration in das Chromosom anwenden kann, so wie es beispielsweise von Reinscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)) zur
25 Duplikation bzw. Amplifikation des hom-thrB-Operons beschrieben wurde. Bei dieser Methode wird das vollständige Gen in einen Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise E. coli), nicht aber in C. glutamicum replizieren kann. Als Vektoren kommen beispielsweise
30 pSUP301 (Simon et al., Bio/Technology 1, 784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)), pGEM-T (Promega Corporation, Madison, WI, USA), pCR2.1-TOPO (Shuman (1994). Journal of Biological Chemistry 269:32678-84; US-A 5,487,993), pCR®Blunt (Firma
35 Invitrogen, Groningen, Niederlande; Bernard et al., Journal

- of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)), pEM1 (Schrumpf et al, 1991, Journal of Bacteriology 173:4510-4516) oder pBGS8 (Spratt et al., 1986, Gene 41: 337-342) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zu amplifizierende Gen enthält, wird
- 5 anschließend durch Konjugation oder Transformation in den gewünschten Stamm von *C. glutamicum* überführt. Die Methode der Konjugation ist beispielsweise bei Schäfer et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 756-759 (1994)) beschrieben. Methoden zur Transformation sind
- 10 beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivan (Bio/Technology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123, 343-347 (1994)) beschrieben. Nach homologer Rekombination mittels eines "cross over"-
- 15 Ereignisses enthält der resultierende Stamm mindestens zwei Kopien des betreffenden Gens.

- Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Aminosäuren vorteilhaft sein, neben dem *sigM*-Gen eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, der Glykolyse, der
- 20 Anaplerotik, des Zitronensäure-Zyklus, des Pentosephosphat-Zyklus, des Aminosäure-Exports und gegebenenfalls regulatorische Proteine zu verstärken, insbesondere überzuexprimieren.

- So kann beispielsweise für die Herstellung von L-
- 25 Aminosäuren zusätzlich zur Verstärkung des endogenen *sigM*-Gens eines oder mehrere Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende Gen *dapA* (EP-B 0 197 335),
- das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase
- 30 kodierende Gen *gap* (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die Triosephosphat Isomerase kodierende Gen *tpi* (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),

- das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende Gen pgk (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen zwf (JP-A-09224661),
- 5 • das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen pyc (DE-A-198 31 609),
- das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase kodierende Gen mqo (Molenaar et al., European Journal of Biochemistry 254, 395-403 (1998)),
- 10 • das für eine feed-back resistente Aspartatkinase kodierende Gen lysC (Accession No.P26512; EP-B-0387527; EP-A-0699759),
- das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE (DE-A-195 48 222),
- 15 • das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende Gen hom (EP-A 0131171),
- das für die Threonin-Dehydratase kodierende Gen ilvA (Möckel et al., Journal of Bacteriology (1992) 8065-8072)) oder das für eine "feed back resistente" Threonin-Dehydratase kodierende Allel ilvA(Fbr) (Möckel et al., 20 (1994) Molecular Microbiology 13: 833-842),
- das für die Acetohydroxysäure-Synthase kodierenden Gen ilvBN (EP-B 0356739),
- das für die Dihydroxysäuredehydratase kodierende Gen ilvD 25 (Sahm und Eggeling (1999) Applied and Environmental Microbiology 65: 1973-1979),
- das für das Zwa1-Protein kodierende Gen zwal (DE: 19959328.0, DSM 13115)

verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Weiterhin kann es für die Produktion von L-Aminosäuren vorteilhaft sein, zusätzlich zur Verstärkung des sigM-Gens eines oder mehrere Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck (DE 199 50 409.1; DSM 13047),
- das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase kodierende Gen pgi (US 09/396,478; DSM 12969),
- das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB (DE: 1995 1975.7; DSM 13114),
- das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2 (DE: 19959327.2, DSM 13113)

abzuschwächen, insbesondere die Expression zu verringern.

Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise einen schwachen Promotor verwendet oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer niedrigen Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Gen oder Enzym (Protein) inaktiviert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Durch die Maßnahmen der Abschwächung wird die Aktivität oder Konzentration des entsprechenden Proteins im allgemeinen auf 0 bis 75%, 0 bis 50%, 0 bis 25%, 0 bis 10% oder 0 bis 5% der Aktivität oder Konzentration des Wildtyp-Proteins, beziehungsweise der Aktivität oder Konzentration des Proteins im Ausgangs-Mikroorganismus, herabgesenkt.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren vorteilhaft sein, neben der Überexpression des sigM-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama:

"Breeding of Amino Acid Producing Micro-organisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen sind
5 ebenfalls Gegenstand der Erfindung und können
kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren
(Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder
repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren)
zum Zwecke der Produktion von Aminosäuren kultiviert
10 werden. Eine Zusammenfassung über bekannte
Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel
(Bioprozeßtechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik
(Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch
von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen
15 (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den
Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen
von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im
Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der
20 American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA,
1981) enthalten.

Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie
z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose,
Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z.B.
25 Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnußöl und Kokosfett, Fettsäuren
wie z.B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure,
Alkohole wie z.B. Glycerin und Ethanol und organische
Säuren wie z.B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe
können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

30 Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff-haltige
Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt,
Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff
oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat,
Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und

Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

- Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die
- 5 entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wachstumsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben
- 10 genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.
- 15 Zur pH-Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie
- 20 z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe wie z.B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff
- 25 haltige Gasmischungen wie z.B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird
- 30 normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Methoden zur Bestimmung von L-Aminosäuren sind aus dem Stand der Technik bekannt. Die Analyse kann zum Beispiel so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958),

35 1190) beschrieben durch Ionenaustausch-Chromatographie mit

anschließender Ninhydrin-Derivatisierung erfolgen, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174) beschrieben.

- 5 Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren.

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

- 10 Folgender Mikroorganismus wurde als Reinkultur am 18. Juli 2001 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt:

- Escherichia coli DH5amcr/pEC-XK99EsigMalex als DSM 14409

- 15 Die Isolierung von Plasmid-DNA aus Escherichia coli sowie alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA) durchgeführt. Methoden zur Transformation von Escherichia coli sind ebenfalls in diesem Handbuch beschrieben.
- 20

Die Zusammensetzung gängiger Nährmedien wie LB- oder TY-Medium kann ebenfalls dem Handbuch von Sambrook et al. entnommen werden.

Beispiel 1

- 25 Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus Corynebacterium glutamicum ATCC 13032

- Chromosomale DNA aus Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 wurde wie bei Tauch et al. (1995, Plasmid 33:168-179) beschrieben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell
- 30

gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250) dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCos1
5 (Wahl et al. (1987) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 84:2160-2164), bezogen von der Firma Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCos1 Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem
10 Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02) gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase dephosphoryliert.

Anschließend wurde die Cosmid-DNA mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland,
15 Produktbeschreibung BamHI, Code no. 27-0868-04) gespalten. Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no.27-0870-04)
20 behandelt. Das Ligationsgemisch wurde anschließend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts (Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt.

Zur Infektion des E. coli Stammes NM554 (Raleigh et al.
25 1988, Nucleic Acid Research 16:1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO₄ aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titerung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor)
30 beschrieben durchgeführt, wobei die Zellen auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 100 mg/l Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert.

Beispiel 2

Isolierung und Sequenzierung des sigM-Gens

Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Nach gelelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Größenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany).

Die DNA des Sequenziervektors pZero-1, bezogen von der Firma Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01), wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04) gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente in den Sequenziervektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das DNA-Gemisch mit T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über Nacht inkubiert wurde. Dieses Ligationsgemisch wurde anschließend in den E. coli Stamm DH5 α MCR (Grant, 1990, Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A., 87:4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS Microbiol Letters, 123:343-7) und auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50 mg/l Zeocin ausplattiert.

Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden,

Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977, Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A., 74:5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al. (1990, Nucleic
5 Acids Research, 18:1067). Es wurde der "RR dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland) verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und Analyse der
10 Sequenzierreaktion erfolgte in einem "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid" Gel (29:1) (Product No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism 377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems (Weiterstadt, Deutschland).

Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschließend unter
15 Anwendung des Staden-Programmpakets (1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) Version 97-0 prozessiert. Die Einzelsequenzen der pZerol-Derivate wurden zu einem zusammenhängenden Contig assembliert. Die computergestützte Kodierbereichsanalyse wurde mit dem Programm XNIP (Staden,
20 1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) angefertigt.

Die erhaltene Nukleotidsequenz ist in SEQ ID No. 1 dargestellt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein offenes Leseraster von 675 Basenpaaren, welches als sigM-Gen bezeichnet wurde. Das sigM-Gen kodiert für ein Protein
25 von 224 Aminosäuren.

Beispiel 3

3.1 Klonierung des sigM-Gens

Aus dem Stamm ATCC 13032 nach der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817-1828 (1994)) chromosomale DNA
30 isoliert. Aufgrund der aus Beispiel 2 für C. glutamicum bekannten Sequenz des sigM-Gens wurden die folgenden Oligonukleotide für die Polymerase Kettenreaktion ausgewählt (siehe SEQ ID No. 3 und SEQ ID No. 4):

sigMex1:

5` ga tctaga tat gta gca cct cag cga ca 3`

sigMex2:

5` ct ctgcag ctt cca tca gtt gct ttc gc 3`

- 5 Die dargestellten Primer wurden von der Firma MWG-Biotech AG (Ebersberg, Deutschland) synthetisiert und nach der Standard-PCR-Methode von Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, 1990, Academic Press) mit Pwo-Polymerase der Firma Roche Diagnostics GmbH
- 10 (Mannheim, Deutschland) die PCR Reaktion durchgeführt. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion ermöglichen die Primer die Amplifikation eines 743 bp großen DNA-Fragmentes, welches das sigM-Gen trägt. Außerdem enthält der Primer sigMex1 die Sequenz für die Schnittstelle der
- 15 Restriktionsendonuklease XbaI, und der Primer sigMex2 die Schnittstelle der Restriktionsendonuklease PstI, die in der oben dargestellten Nukleotidabfolge durch Unterstreichen markiert sind.

- Das 743 bp große sigM-Fragment wurde mit den
- 20 Restriktionsendonukleasen XbaI und PstI gespalten und anschließend aus dem Agarosegel mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany) isoliert.

3.2 Konstruktion des Shuttle - Vektors pEC-XK99E

- 25 Nach dem Stand der Technik wurde der E. coli - C. glutamicum Shuttle - Vektor pEC-XK99E konstruiert. Der Vektor enthält die Replikationsregion rep des Plasmids pGA1 einschließlich des Replikationseffectors per (US-A-5,175,108; Nesvera et al., Journal of Bacteriology 179,
- 30 1525-1532 (1997)), das Kanamycin-Resistenzgen aph(3')-IIa aus Escherichia coli (Beck et al. (1982), Gene 19: 327-336), den Replikationsursprung, den trc-Promotor, die Terminationsregionen T1 und T2, das lacI^q-Gen (Repressor des lac-Operons von E.coli) und eine

Mehrfachklonierschnittstelle (multiple cloning site, mcs) (Norlander, J.M. et al. Gene 26, 101-106 (1983)) des Plasmids pTRC99A (Amann et al. (1988), Gene 69: 301-315). Der trc-Promotor kann durch Zugabe des Lactose-Derivates
5 IPTG (Isopropyl- β -D-thiogalactopyranosid) induziert werden.

Der konstruierte E. coli - C. glutamicum Shuttle - Vektor pEC-XK99E wurde mittels Elektroporation (Liebl et al., 1989, FEMS Microbiology Letters, 53:299-303) in C. glutamicum DSM5715 transferiert. Die Selektion der
10 Transformanten erfolgte auf LBHIS Agar bestehend aus 18,5 g/l Brain-Heart Infusion Boullion, 0,5 M Sorbitol, 5 g/l Bacto-Trypton, 2,5 g/l Bacto-Yeast-Extract, 5 g/l NaCl und 18 g/l Bacto-Agar, der mit 25 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Die Inkubation erfolgte für 2 Tage bei 33°C.

15 Plasmid DNA wurde aus einer Transformante nach den üblichen Methoden isoliert (Peters-Wendisch et al., 1998, Microbiology, 144, 915 - 927), mit der Restriktionsendonuklease HindIII geschnitten und das Plasmid durch anschließende Agarosegel-Elektrophorese
20 überprüft.

Das so erhaltene Plasmidkonstrukt wurde als pEC-XK99E (Figur 1) bezeichnet. Der durch Elektroporation des Plasmides pEC-XK99E in den C. glutamicum-Stamm DSM5715 erhaltene Stamm wurde DSM5715/pEC-XK99E genannt und als
25 DSM13455 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt.

3.3 Klonierung von sigM in den E. coli-C. glutamicum Shuttle Vektor pEC-XK99E

30 Als Vektor wurde der in Beispiel 3.2 beschriebene E. coli - C. glutamicum Shuttle-Vektor pEC-XK99E verwendet. DNA dieses Plasmids wurde mit den Restriktionsenzymen XbaI und PstI vollständig gespalten und anschließend mit shrimp

alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert.

Das in Beispiel 3.1 beschriebene, mittels PCR gewonnene und
5 mit den Restriktionsendonukleasen XbaI und PstI gespaltene
ca. 741 bp große sigM-Fragment wurde mit dem vorbereiteten
Vektor pEC-XK99E gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase
(Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland,
Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no.27-0870-04)
10 behandelt. Der Ligationsansatz wurde in den E. coli Stamm
DH5 α mc^r (Hanahan, In: DNA cloning. A Practical Approach.
Vol. I. IRL-Press, Oxford, Washington DC, USA)
transformiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden Zellen
erfolgte durch Ausplattieren des Transformationsansatzes
15 auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50 mg/l
Kanamycin. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden
rekombinante Einzelklone selektioniert. Plasmid DNA wurde
aus einer Transformante mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit
(Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach
20 Herstellerangaben isoliert und mit den Restriktionsenzymen
XbaI und PstI gespalten, um das Plasmid durch anschließende
Agarosegel-Elektrophorese zu überprüfen. Das erhaltene
Plasmid wurde pEC-XK99EsigMalex genannt. Es ist in Figur 2
dargestellt.

25 Beispiel 4

Transformation des Stammes DSM5715 mit dem Plasmid
pEC-XK99EsigMalex

Der Stamm DSM5715 wurde mit dem Plasmid pEC-XK99EsigMalex
unter Anwendung der von Liebl et al., (FEMS Microbiology
30 Letters, 53:299-303 (1989)) beschriebenen
Elektroporationsmethode transformiert. Die Selektion der
Transformanten erfolgte auf LBHIS Agar bestehend aus 18,5
g/l Brain-Heart Infusion Boullion, 0,5 M Sorbitol, 5 g/l
Bacto-Trypton, 2,5 g/l Bacto-Yeast-Extract, 5 g/l NaCl und

18 g/l Bacto-Agar, der mit 25 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Die Inkubation erfolgte für 2 Tage bei 33°C.

Plasmid DNA wurde aus einer Transformante nach den üblichen Methoden isoliert (Peters-Wendisch et al., 1998,

- 5 Microbiology, 144, 915 - 927), mit den Restriktionsendonukleasen XbaI und PstI geschnitten und das Plasmid durch anschließende Agarosegel-Elektrophorese überprüft. Der erhaltene Stamm wurde DSM5715/pEC-XK99EsigMalex genannt.

10 Beispiel 5

Herstellung von Lysin

- Der in Beispiel 4 erhaltene C. glutamicum Stamm DSM5715/pEC-XK99EsigMalex wurde in einem zur Produktion von Lysin geeigneten Nährmedium kultiviert und der Lysingehalt
15 im Kulturüberstand bestimmt.

- Dazu wurde der Stamm zunächst auf Agarplatte mit dem entsprechenden Antibiotikum (Hirn-Herz-Agar mit Kanamycin (25 mg/l)) für 24 Stunden bei 33°C inkubiert. Ausgehend von dieser Agarplattenkultur wurde eine Vorkultur angeimpft (10
20 ml Medium im 100 ml Erlenmeyerkolben). Als Medium für die Vorkultur wurde das Vollmedium CgIII verwendet.

Medium Cg III

NaCl	2,5 g/l
Bacto-Pepton	10 g/l
Bacto-Yeast-Extrakt	10 g/l
Glucose (getrennt autoklaviert)	2% (w/v)
Der pH-Wert wurde auf pH 7.4 eingestellt	

Diesem wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Vorkultur wurde 16 Stunden bei 33°C bei 240 rpm auf dem Schüttler inkubiert. Von dieser Vorkultur wurde eine Hauptkultur angeimpft, so daß die Anfangs-OD (660 nm) der Hauptkultur 5 0,1 betrug. Für die Hauptkultur wurde das Medium MM verwendet.

Medium MM

CSL (Corn Steep Liquor)	5 g/l
MOPS (Morpholinopropansulfonsäure)	20 g/l
Glucose (getrennt autoklaviert)	50 g/l
 (NH ₄) ₂ SO ₄	 25 g/l
KH ₂ PO ₄	0,1 g/l
MgSO ₄ * 7 H ₂ O	1,0 g/l
CaCl ₂ * 2 H ₂ O	10 mg/l
FeSO ₄ * 7 H ₂ O	10 mg/l
MnSO ₄ * H ₂ O	5,0mg/l
Biotin (sterilfiltriert)	0,3 mg/l
Thiamin * HCl (sterilfiltriert)	0,2 mg/l
L-Leucin (sterilfiltriert)	0,1 g/l
CaCO ₃	25 g/l

CSL, MOPS und die Salzlösung wurden mit Ammoniakwasser auf pH 7 eingestellt und autoklaviert. Anschließend wurden die 10 sterilen Substrat- und Vitaminlösungen zugesetzt, sowie das trocken autoklavierte CaCO₃.

Die Kultivierung erfolgt in 10 ml Volumen in einem 100 ml Erlenmeyerkolben mit Schikanen. Es wurde Kanamycin (25 mg/l) und IPTG (1mM/l) zugesetzt. Die Kultivierung erfolgte bei 33°C und 80% Luftfeuchte.

- 5 Nach 72 Stunden wurde die OD bei einer Messwellenlänge von 660 nm mit dem Biomek 1000 (Beckmann Instruments GmbH, München) ermittelt. Die gebildete Lysinmenge wurde mit einem Aminosäureanalysator der Firma Eppendorf-BioTronik (Hamburg, Deutschland) durch Ionenaustauschchromatographie
10 und Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrindetektion bestimmt.

In Tabelle 1 ist das Ergebnis des Versuchs dargestellt.

Tabelle 1

Stamm	OD (660 nm)	Lysin-HCl g/l
DSM5715	11,8	14,43
DSM5715/ pEC-XK99EsigMalex	9,0	14,82

- 15 Kurze Beschreibung der Figuren:

Figur 1: Karte des Plasmids pEC-XK99E

Figur 2: Karte des Plasmids pEC-XK99EsigMalex

Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung:

Kan:	Kanamycin Resistenz-Gen aph(3')-IIa aus Escherichia coli
HindIII	Schnittstelle des Restriktionsenzym HindIII
XbaI	Schnittstelle des Restriktionsenzym XbaI

PstI	Schnittstelle des Restriktionsenzym PstI
Ptrc	trc-Promotor
T1	Terminationsregion T1
T2	Terminationsregion T2
per	Replikationseffektor per
rep	Replikationsregion rep des Plasmides pGA1
lacIq	lacIq-Repressor des lac-Operons von Escherichia coli
sigM	kloniertes sigM-Gen

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Degussa AG

5 <120> Für das sigM-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

<130> 000449 BT

<140>

10 <141>

<160> 4

<170> PatentIn Ver. 2.1

15

<210> 1

<211> 1211

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>

<221> CDS

<222> (236)..(907)

<223> sigM-Gen

25

<400> 1

gacaccaatc cacagatgca gatcgctgaa gtacaacttg ttggttggtta aattacgcgt 60

30

ttgtgattga ccccatataa ggtgcgcccgc ccctcagttt cactaactga aggcggggcgt 120

ttttaattta tatatagctt cagctcacag gtattttcca gaaagaagag ccctcaaagt 180

atgtagcacc tcagcgacac ctcccacttg agtgggcgcc gagaagtatc tctca atg 238
Met

35

1

gaa aat ctg ccc ata cta agc cgc ata agg gat acg ggg tgt gtc cct 286

Glu Asn Leu Pro Ile Leu Ser Arg Ile Arg Asp Thr Gly Cys Val Pro

5

10

15

40

caa cct gcg ggg gat ctt atg aca gta ctg cct aaa aac cat gac cta 334

Gln Pro Ala Gly Asp Leu Met Thr Val Leu Pro Lys Asn His Asp Leu

20

25

30

45

agc gat acc caa ctc gtc aaa cag ttt ata tct ggc gac tcc agg gca 382

Ser Asp Thr Gln Leu Val Lys Gln Phe Ile Ser Gly Asp Ser Arg Ala

35

40

45

50

ttt tcc acc atc att cac cgc cac gaa cga cat atg atg cag gca gcc 430

Phe Ser Thr Ile Ile His Arg His Glu Arg His Met Met Gln Ala Ala

50

55

60

65

55

aga aaa tac ggg cgg aaa cca gaa gac gcc caa gac att ctc caa gaa 478

Arg Lys Tyr Gly Arg Lys Pro Glu Asp Ala Gln Asp Ile Leu Gln Glu

70

75

80

gct ctc ttt cgc gcc agc cga aac atg cac ctt tat aga gca gaa gca 526

Ala Leu Phe Arg Ala Ser Arg Asn Met His Leu Tyr Arg Ala Glu Ala

85

90

95

gct ctc ggc acg tgg ctc cac aaa ctt gtc ctg aat agc ggc ttc gat 574
 Ala Leu Gly Thr Trp Leu His Lys Leu Val Leu Asn Ser Gly Phe Asp
 100 105 110

5

tgg gct acc cac cgc tcc caa gta gaa ttc ccc atc ctt aac gaa cca 622
 Trp Ala Thr His Arg Ser Gln Val Glu Phe Pro Ile Leu Asn Glu Pro
 115 120 125

10

aca atc gat tta gaa aaa gat cct cgc cta gcc acc gac ccc ttg ggc 670
 Thr Ile Asp Leu Glu Lys Asp Pro Arg Leu Ala Thr Asp Pro Leu Gly
 130 135 140 145

15

tac ctc gat gtc gcc atg aca att cga tcc gcc atc gac caa tta cac 718
 Tyr Leu Asp Val Ala Met Thr Ile Arg Ser Ala Ile Asp Gln Leu His
 150 155 160

20

ccc gat caa cgc atc gcc tta ata ctt gtc gac ctc ggc ggc tac acc 766
 Pro Asp Gln Arg Ile Ala Leu Ile Leu Val Asp Leu Gly Gly Tyr Thr
 165 170 175

25

gta gaa gat gtg gcc gaa atc gaa gga atc aaa gta ggt acc gtt aaa 814
 Val Glu Asp Val Ala Glu Ile Glu Gly Ile Lys Val Gly Thr Val Lys
 180 185 190

30

tca cgc cga ggg cgc gca cgc aaa gcg ttg cgc gcc ctt tta cat gca 862
 Ser Arg Arg Gly Arg Ala Arg Lys Ala Leu Arg Ala Leu Leu His Ala
 195 200 205

35

gat ttc ttc ggg ccc gaa gat ggc tcc ata cag tgc gaa agc aac 907
 Asp Phe Phe Gly Pro Glu Asp Gly Ser Ile Gln Cys Glu Ser Asn
 210 215 220

40

tgatggaagt ttttcaaagt gtctgacgtt gaaaacggtg agttcacaac taggggtgaat 967
 ggtgcacgtg atgctgcact tttacgttta ctactttgag ggaaacaatg tctgaagaac 1027
 aatctgccgt agcaccaaag attcatgatg tcgccatcat cggtccggt ccagctggct 1087

45

ataccgcagc agtatatgca gcccgcgctg acctcaacc catcatgttc gagggctatg 1147
 aatacgttg atctttgatg accactactg acgtggaaaa ctcccaggc tttgaaaagg 1207
 gaat 1211

50

<210> 2
 <211> 224
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

55

<400> 2
 Met Glu Asn Leu Pro Ile Leu Ser Arg Ile Arg Asp Thr Gly Cys Val
 1 5 10 15
 Pro Gln Pro Ala Gly Asp Leu Met Thr Val Leu Pro Lys Asn His Asp
 20 25 30

Leu Ser Asp Thr Gln Leu Val Lys Gln Phe Ile Ser Gly Asp Ser Arg
 35 40 45
 5 Ala Phe Ser Thr Ile Ile His Arg His Glu Arg His Met Met Gln Ala
 50 55 60
 Ala Arg Lys Tyr Gly Arg Lys Pro Glu Asp Ala Gln Asp Ile Leu Gln
 65 70 75 80
 10 Glu Ala Leu Phe Arg Ala Ser Arg Asn Met His Leu Tyr Arg Ala Glu
 85 90 95
 Ala Ala Leu Gly Thr Trp Leu His Lys Leu Val Leu Asn Ser Gly Phe
 100 105 110
 15 Asp Trp Ala Thr His Arg Ser Gln Val Glu Phe Pro Ile Leu Asn Glu
 115 120 125
 Pro Thr Ile Asp Leu Glu Lys Asp Pro Arg Leu Ala Thr Asp Pro Leu
 130 135 140
 Gly Tyr Leu Asp Val Ala Met Thr Ile Arg Ser Ala Ile Asp Gln Leu
 145 150 155 160
 25 His Pro Asp Gln Arg Ile Ala Leu Ile Leu Val Asp Leu Gly Gly Tyr
 165 170 175
 Thr Val Glu Asp Val Ala Glu Ile Glu Gly Ile Lys Val Gly Thr Val
 180 185 190
 30 Lys Ser Arg Arg Gly Arg Ala Arg Lys Ala Leu Arg Ala Leu Leu His
 195 200 205
 Ala Asp Phe Phe Gly Pro Glu Asp Gly Ser Ile Gln Cys Glu Ser Asn
 210 215 220
 35
 40 <210> 3
 <211> 28
 <212> DNA
 <213> Künstliche Sequenz
 <220>
 45 <223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer
 sigMex1
 <400> 3
 caggtacctg gctacgagga cgattaag
 50
 <210> 4
 <211> 28
 <212> DNA
 55 <213> Künstliche Sequenz
 <220>
 <223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer
 sigMex2

<400> 4

tgtctagaaa gcatgaggag gaatcaac

28

5

Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das sigM-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
 - 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
 - 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
 - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
 - 15 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität des Sigma-Faktors M aufweist.
- 20 2. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.
- 25 4. Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.
5. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2, enthaltend
 - (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder

- (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Kodes entspricht, oder
 - (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und gegebenenfalls
 - (iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).
6. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 5, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t, daß die Hybridisierung von Sequenz (iii) unter einer Stringenz entsprechend höchstens 2x SSC durchgeführt wird.
7. Polynukleotidsequenz gemäß Anspruch 2, die für ein Polypeptid kodiert, das die in SEQ ID No. 2 dargestellte Aminosäuresequenz enthält.
8. Coryneforme Bakterien, in denen das sigM-Gen verstärkt, insbesondere überexprimiert wird.
9. Escherichia coli Stamm DH5amcr/pEC-XK99EsigMalex als DSM 14409 hinterlegt bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Deutschland.
10. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere Lysin, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t, daß man folgende Schritte durchführt:
- a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure produzierenden coryneformen Bakterien, in denen man zumindest das endogene sigM-Gen oder dafür kodierende Nukleotidsequenzen verstärkt, insbesondere überexprimiert;
 - b) Anreicherung der L-Aminosäure im Medium oder in den Zellen der Bakterien, und

c) Isolierung der L-Aminosäure.

11. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man Bakterien
einsetzt, in denen man zusätzlich weitere Gene des
5 Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure
verstärkt.
12. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man Bakterien
einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest
10 teilweise ausgeschaltet sind, die die Bildung der
gewünschten L-Aminosäure verringern.
13. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man einen mit einem
Plasmidvektor transformierten Stamm einsetzt, und der
15 Plasmidvektor die für das sigM-Gen kodierende
Nukleotidsequenz trägt.
14. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man die Expression des
(der) Polynukleotids (e), das (die) für das sigM-Gen
20 kodiert (kodieren) verstärkt, insbesondere
überexprimiert.
15. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man die
regulatorischen Eigenschaften des Polypeptids
25 (Enzymprotein) erhöht, für das das Polynukleotid sigM
kodiert.
16. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man zur Herstellung
von L-Aminosäuren coryneforme Mikroorganismen
30 fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder
mehrere der endogenen Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- 16.1 das für die Dihydrodipicolinat-Synthase
kodierende Gen dapA,
- 16.2 das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat
Dehydrogenase kodierende Gen gap,
- 5 16.3 das für die Triosephosphat Isomerase kodierende
Gen tpi,
- 16.4 das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende
Gen pgk,
- 10 16.5 das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase
kodierende Gen zwf,
- 16.6 das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen
pyc,
- 16.7 das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase
kodierende Gen mqo,
- 15 16.8 das für eine feed-back resistente
Aspartatkinase kodierende Gen lysC,
- 16.9 das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE,
- 16.10 das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende
Gen hom,
- 20 16.11 das für die Threonin-Dehydratase kodierende Gen
ilvA oder das für eine feed back resistente
Threonin-Dehydratase kodierende Allel
ilvA(Fbr),
- 25 16.12 das für die Acetohydroxysäure-Synthase
kodierende Gen ilvBN,
- 16.13 das für die Dihydroxysäuredehydratase
kodierende Gen ilvD,
- 16.14 das für das Zwal-Protein kodierende Gen zwal,

verstärkt bzw. überexprimiert.

17. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man zur Herstellung
von L-Aminosäuren coryneforme Mikroorganismen
5 fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder
mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
- 17.1 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase
kodierende Gen pck,
- 10 17.2 das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase
kodierende Gen pgi,
- 17.3 das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen
poxB,
- 17.4 das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2,
abschwächt.
- 15 18. Coryneforme Bakterien, die einen Vektor enthalten, der
ein Polynukleotid gemäß Anspruch 1 trägt.
19. Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 10-
17, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t, daß
man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium
20 einsetzt.
20. Verfahren gemäß Anspruch 19, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man den
Corynebacterium glutamicum Stamm
DSM5715/pEC-XK99EsigMalex einsetzt.
- 25 21. Verfahren zum Auffinden von RNA, cDNA und DNA, um
Nukleinsäuren, beziehungsweise Polynukleotide oder Gene
zu isolieren, die für den Sigma-Faktor M kodieren oder
eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des sigM-Gens
aufweisen, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
30 daß man das Polynukleotid, enthaltend die

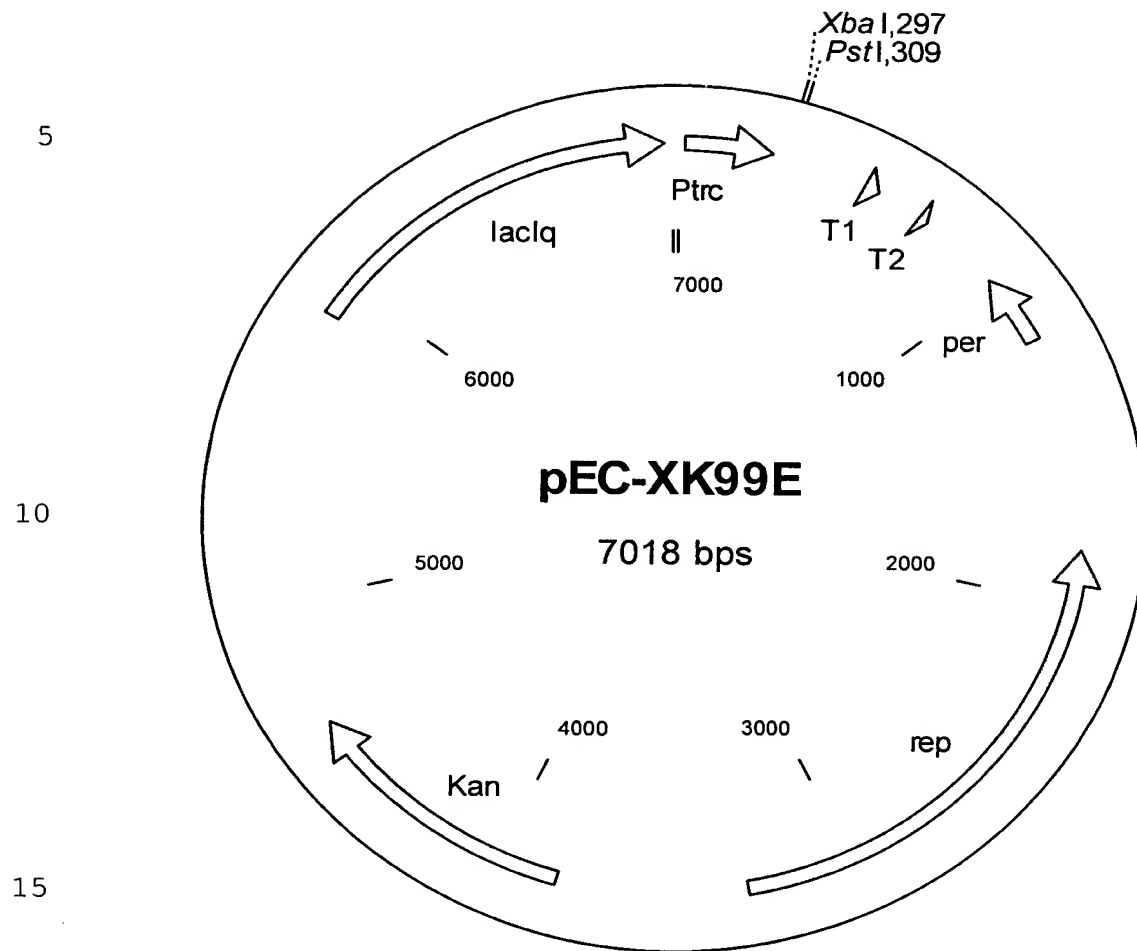
Zusammenfassung

Die Erfindung betrifft ein isoliertes Polynukleotid, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine
10 Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
- c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15
15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

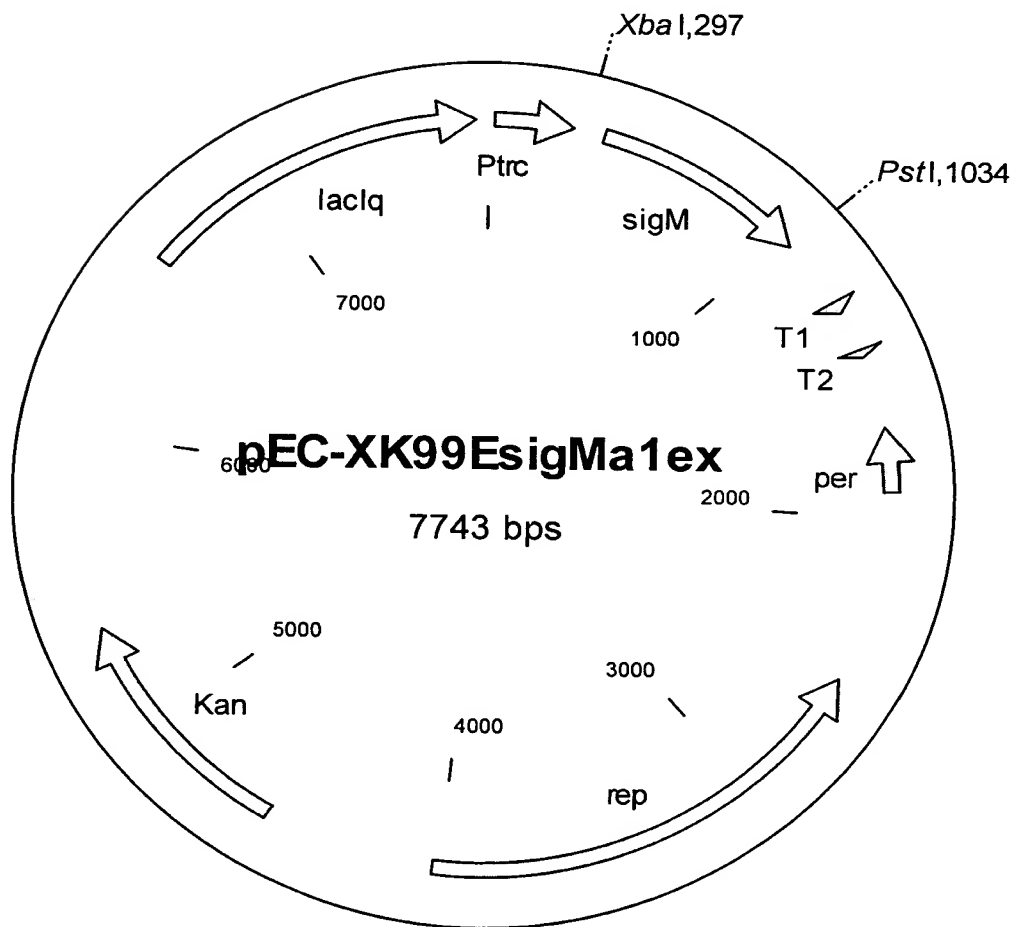
und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen zumindest das sigM-Gen verstärkt vorliegt, und die
20 Verwendung von Polynukleotiden, die die erfindungsgemäßen Sequenzen enthalten, als Hybridisierungssonden.

Figur 1: Karte des Plasmides pEC-XK99E



Figur 2: Karte des Plasmides pEC-XK99EsigMalex

5





Creation date: 09-05-2003
Indexing Officer: TKASSAYE - TILAHUN KASSAYE
Team: OIPEBackFileIndexing
Dossier: 09942935

Legal Date: 12-10-2001

No.	Dccode	Number of pages
1	LET.	7
2	CRFL	1
3	A...	1
4	REM	1
5	OATH	2
6	SEQLIST	4

Total number of pages: 16

Remarks:

Order of re-scan issued on